

Appl. No.: 10/750,076
Amdt. Dated July 2, 2007
Reply to Office action of April 30, 2007

APPENDIX A

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0 Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989) 4:11-17

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.1                                     166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
99.4% identity;           Global alignment score: 916

```

		10	20	30	40	50	60
ifn_b.	MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY						
	:::::::::::::::::::: ::						
NO.1	MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY						
		10	20	30	40	50	60
		70	80	90	100	110	120
ifn_b.	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL						
	::						
NO.1	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL						
		70	80	90	100	110	120
		130	140	150	160		
ifn_b.	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLNR						
	::						
NO.1	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLNR						
		130	140	150	160		

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.2                                     165 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
97.0% identity;           Global alignment score: 875

```

		10	20	30	40	50	60
ifn_b.	MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY						
:	:: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::						
NO.2	MC-NLSQFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY						
		10	20	30	40	50	
<hr/>							
		70	80	90	100	110	120
ifn_b.	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSSL						
:	::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::						
NO.2	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSSL						
	60	70	80	90	100	110	
<hr/>							
		130	140	150	160		
ifn_b.	HLKRYYGRIILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLRN						
:	::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::						
NO.2	HLKRYYGRIILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLRN						
	120	130	140	150	160		

```

IFN-B                                166 aa vs.
NO.3                                165 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
96.4% identity;      Global alignment score: 874

```

```

      10      20      30      40      50      60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      :  .:  :::::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.3   MC-DLPQFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      10      20      30      40      50

```

```

      70      80      90     100     110     120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      :  :::::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.3   EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      60      70      80      90     100     110

```

```

     130     140     150     160
ifn_b. HLKRYYGRIILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
      :  :::::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.3   HLKRYYGRIILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
     120     130     140     150     160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.4 165 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
97.0% identity; Global alignment score: 878

```

      10      20      30      40      50      60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      :  .:  :::::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.4   MS-DLPQFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      10      20      30      40      50

```

```

      70      80      90     100     110     120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      :  :::::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.4   EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      60      70      80      90     100     110

```

```

     130     140     150     160
ifn_b. HLKRYYGRIILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
      :  :::::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.4   HLKRYYGRIILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
     120     130     140     150     160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.5 165 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
86.8% identity; Global alignment score: 740

```

      10      20      30      40      50
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNG-RLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTI
      :  .:  .  .:  .  .:  .:  :::::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.5   MS-DLPE-THSLDNRRTLMLLAQMSRISPEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTI
      10      20      30      40      50

```

```

ifn_b. YEMLNQIFALFRQDSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
       :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.5   YEMLNQIFALFRQDSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
       60          70          80          90          100         110

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.6                                     165 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
97.0% identity;           Global alignment score: 884

```

```

              70              80              90              100             110             120
ifn_b.  EMLQNIFALFRQDSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
         ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.6    EMLQNIFALFRQDSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
         60              70              80              90              100             110

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.7                                     166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
88.0% identity;           Global alignment score: 824

```

```

              70              80              90              100             110             120
ifn_b.  EMLQNIFALFRQDSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
          :::::::::::::::::::: . . . :::::::::::::: . . . ::::::::::::::
NO.7    EMLQNIFALFRQDSSTGWNEDLPDKFCTELYQQLNDLEACVMQELEKEDFTRGKLMSSL
              70              80              90              100             110             120

```

```

            130      140      150      160
ifn_b. HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
      .....
NO.7   HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
            130      140      150      160

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.8                                     166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
88.0% identity;      Global alignment score: 827

```

```

            10      20      30      40      50      60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      .....
NO.8   MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
            10      20      30      40      50      60

            70      80      90     100     110     120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWN ETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      .....
NO.8   EMLQNIFALFRQDSSSTGWN EDLLDKFCTELYQQLNDLEACVMQEELEKEDFTRGKLMSSL
            70      80      90     100     110     120

```

```

            130      140      150      160
ifn_b. HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
      .....
NO.8   HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
            130      140      150      160

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.9                                     166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
94.0% identity;      Global alignment score: 857

```

```

            10      20      30      40      50      60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      .....
NO.9   MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
            10      20      30      40      50      60

            70      80      90     100     110     120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWN ETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      .....
NO.9   EMLQNIFALFRQDSSSTGWN ETIVENLLANVYHQINHLKTVLMQEERVGETPRGKLMSSL
            70      80      90     100     110     120

```

```

            130      140      150      160
ifn_b. HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
      .....
NO.9   HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
            130      140      150      160

```

IFN-B 166 aa vs.
 NO.10 166 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 93.4% identity; Global alignment score: 847

	10	20	30	40	50	60
ifn_b.	MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY					

NO.10	MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRHDFGFPQEEFDGNQFQKEDAALTIY					
	10	20	30	40	50	60

	70	80	90	100	110	120
ifn_b.	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL					

NO.10	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL					
	70	80	90	100	110	120

	130	140	150	160
ifn_b.	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN			

NO.10	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN			
	130	140	150	160

IFN-B 166 aa vs.
 NO.11 166 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 97.0% identity; Global alignment score: 891

	10	20	30	40	50	60
ifn_b.	MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY					

NO.11	MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRHDFGFPQEEIKQLQQFQKEDAALTIY					
	10	20	30	40	50	60

	70	80	90	100	110	120
ifn_b.	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL					

NO.11	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL					
	70	80	90	100	110	120

	130	140	150	160
ifn_b.	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN			

NO.11	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN			
	130	140	150	160

IFN-B 166 aa vs.
 NO.12 166 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 96.4% identity; Global alignment score: 882


```

              70          80          90          100          110          120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWNTIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.14  EMLQNIFALFRQDSSSTGWNTIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
              70          80          90          100          110          120

              130          140          150          160
ifn_b. HLKRYYGRILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLRN
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.14  HLKRYYGRILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLRN
              130          140          150          160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.15 166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
99.4% identity; Global alignment score: 916

```

              10          20          30          40          50          60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.15  MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQGGQFQKEDAALTIY
              10          20          30          40          50          60

              70          80          90          100          110          120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWNTIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.15  EMLQNIFALFRQDSSSTGWNTIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
              70          80          90          100          110          120

              130          140          150          160
ifn_b. HLKRYYGRILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLRN
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.15  HLKRYYGRILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLRN
              130          140          150          160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.16 166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
98.8% identity; Global alignment score: 911

```

              10          20          30          40          50          60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.16  MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFGIPEEIKQGGQFQKEDAALTIY
              10          20          30          40          50          60

              70          80          90          100          110          120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWNTIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
NO.16  EMLQNIFALFRQDSSSTGWNTIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
              70          80          90          100          110          120

```



```

            130      140      150      160
ifn_b.  HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.16   HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
            130      140      150      160

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.17                                     166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
94.0% identity;      Global alignment score: 850

```

```

            10      20      30      40      50      60
ifn_b.  MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.17   MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRHDFRIPQEEFDGNQFQKEDAALTIY
            10      20      30      40      50      60

```

```

            70      80      90     100     110     120
ifn_b.  EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.17   EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
            70      80      90     100     110     120

```

```

            130      140      150      160
ifn_b.  HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.17   HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
            130      140      150      160

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.18                                     166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
93.4% identity;      Global alignment score: 847

```

```

            10      20      30      40      50      60
ifn_b.  MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.18   MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRKYFGFPQEEFDGNQFQKEDAALTIY
            10      20      30      40      50      60

```

```

            70      80      90     100     110     120
ifn_b.  EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.18   EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
            70      80      90     100     110     120

```

```

            130      140      150      160
ifn_b.  HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.18   HLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYL RN
            130      140      150      160

```

IFN-B 166 aa vs.
 NO.19 166 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 93.4% identity; Global alignment score: 844

	10	20	30	40	50	60
ifn_b.	MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY					

NO.19	MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRHDFGFPGEEDGNQFQKEDAALTIY					
	10	20	30	40	50	60

	70	80	90	100	110	120
ifn_b.	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL					

NO.19	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL					
	70	80	90	100	110	120

	130	140	150	160
ifn_b.	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN			

NO.19	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN			
	130	140	150	160

IFN-B 166 aa vs.
 NO.20 166 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 94.0% identity; Global alignment score: 860

	10	20	30	40	50	60
ifn_b.	MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY					

NO.20	MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRHDFEFPQEEFDDKQFQKEDAALTIY					
	10	20	30	40	50	60

	70	80	90	100	110	120
ifn_b.	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL					

NO.20	EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL					
	70	80	90	100	110	120

	130	140	150	160
ifn_b.	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN			

NO.20	HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN			
	130	140	150	160

IFN-B 166 aa vs.
 NO.21 165 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 94.0% identity; Global alignment score: 851

```

          10          20          30          40          50          60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.21 MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRADFKIPMEMTE-KQFQKEDAALTIY
          10          20          30          40          50

          70          80          90          100          110          120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWNENITIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.21 EMLQNIFALFRQDSSSTGWNENITIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      60          70          80          90          100          110

          130          140          150          160
ifn_b. HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.21 HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
      120          130          140          150          160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.22 166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
80.2% identity; Global alignment score: 680

```

          10          20          30          40          50
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNG-RLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTI
      : : : : : . . : . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.22 MSYNLLGF-HSLDNRRTLMLLAQMSRISPSSCLMDRHDGFGFPQEEFDGNQFQKAPAILTI
          10          20          30          40          50

          60          70          80          90          100          110
ifn_b. YEMLQNIFALFRQDSSSTGWNENITIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.22 YEMLQNIFALFRQDSSSTGWNENITIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
      60          70          80          90          100          110

          120          130          140          150          160
ifn_b. LHLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.22 LHLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
      120          130          140          150          160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.23 166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
94.6% identity; Global alignment score: 859

```

          10          20          30          40          50          60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : . : : : : : : : : :
NO.23 MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEEFDGNQFQKAPAILTIY
          10          20          30          40          50          60

```

```

              70          80          90          100          110          120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
       : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.23  EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
              70          80          90          100          110          120

```

```

              130          140          150          160
ifn_b. HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
       : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.23  HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
              130          140          150          160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.24 166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
94.0% identity; Global alignment score: 856

```

              10          20          30          40          50          60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
       : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.24  MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPQEEFDGNQFQKAPAILTIY
              10          20          30          40          50          60

```

```

              70          80          90          100          110          120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
       : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.24  EMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
              70          80          90          100          110          120

```

```

              130          140          150          160
ifn_b. HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
       : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.24  HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
              130          140          150          160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.25 165 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
77.2% identity; Global alignment score: 638

```

              10          20          30          40          50
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNG-RLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTI
       : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.25  MC-DLPQF-HSLDNRRTLMLLAQMSRISPSSCLMDRHDGFGFPQEEFDGNQFQKAPAILTI
              10          20          30          40          50

```

```

              60          70          80          90          100          110
ifn_b. YEMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
       : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.25  YEMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
              60          70          80          90          100          110

```

```

      120      130      140      150      160
ifn_b. LHLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTG YLRN
      .....
NO.25  LHLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTG YLRN
      120      130      140      150      160

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.26                                     166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
91.7% identity;           Global alignment score: 812

```

```

      10      20      30      40      50
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEI--KQLQQFQKEDAALT
      .....
NO.26  MSYNLLGFLQRSSNFQSQKLLWQLNGR--SCLKDRHDFGFPQEEFDGNLQQFQKEDAALT
      10      20      30      40      50

```

```

      60      70      80      90     100     110
ifn_b. IYEMLQNI FALFRQDSSSTGWN ETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMS
      .....
NO.26  IYEMLQNI FALFRQDSSSTGWN ETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMS
      60      70      80      90     100     110

```

```

      120      130      140      150      160
ifn_b. SLHLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTG YLRN
      .....
NO.26  SLHLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTG YLRN
      120      130      140      150      160

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.27                                     166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
80.2% identity;           Global alignment score: 680

```

```

      10      20      30      40      50
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNG-RLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTI
      .....
NO.27  MSYNLLGFHSLDNRRTC-MLLAQMSRISPSSCLMDRHDFGFPQEEFDGNQFQKAPAILTI
      10      20      30      40      50

```

```

      60      70      80      90     100     110
ifn_b. YEMLQNI FALFRQDSSSTGWN ETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMS
      .....
NO.27  YEMLQNI FALFRQDSSSTGWN ETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMS
      60      70      80      90     100     110

```

```

      120      130      140      150      160
ifn_b. LHLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTG YLRN
      .....
NO.27  LHLKRYYGRI LHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTG YLRN
      120      130      140      150      160

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.28                                    166 aa

scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
85.0% identity;           Global alignment score: 737

              10          20          30          40          50
ifn_b.  MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNG-RLEYCLKDRMNFEDIPEEIKQLQQFQKEDAALTI
        : : : : : . . : . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.28  MSYNLLGF-HSLDNRRTLMLLAQMSRISPSSCLMDRHDFGFPEIKQLQQFQKEDAALTI
              10          20          30          40          50

        60          70          80          90          100          110
ifn_b.  YEMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.28  YEMLQNIFALFRQDSSSTGWNETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
        60          70          80          90          100          110

        120          130          140          150          160
ifn_b.  LHLKRYYGRILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLNR
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.28  LHLKRYYGRILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLNR
        120          130          140          150          160

```

```

IFN-B                                     166 aa vs.
NO.30                                    166 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
95.2% identity;           Global alignment score: 869

```

```

          10          20          30          40          50          60
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTIY
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.30 MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQLNGRLEYCLKDRMNFDIPEEEFDGNQFQKAPAILTIY
          10          20          30          40          50          60

          70          80          90         100         110         120
ifn_b. EMLQNIFALFRQDSSSTGWNENETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.30 EMLQNIFALFRQDSSSTGWNENETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSSL
          70          80          90         100         110         120

          130         140         150         160
ifn_b. HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.30 HLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
          130         140         150         160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.31 165 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
81.4% identity; Global alignment score: 683

```

          10          20          30          40          50
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQL-NGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTI
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.31 MSYNLLGFHSLGSRRTC-MLLAQMRKISLFSCLKDRHDFGFPQEEFG-NQFQKAETILTI
          10          20          30          40          50

          60          70          80          90         100         110
ifn_b. YEMLQNIFALFRQDSSSTGWNENETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.31 YEMLQNIFALFRQDSSSTGWNENETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS
          60          70          80          90         100         110

          120         130         140         150         160
ifn_b. LHLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.31 LHLKRYYGRIHLHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNIFYFINRLTGYLRLN
          120         130         140         150         160

```

IFN-B 166 aa vs.
NO.32 164 aa
scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
77.8% identity; Global alignment score: 629

```

          10          20          30          40          50
ifn_b. MSYNLLGFLQRSSNFQCQKLLWQL-NGRLEYCLKDRMNFDIPEEIKQLQQFQKEDAALTI
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NO.32 MC-DLPQTHSLGSRRTC-MLLAQMRKISLFSCLKDRHDFGFPQEEFG-NQFQKAETILTI
          10          20          30          40          50

```

	60	70	80	90	100	110
ifn_b.	YEMLQNIFALFRQDSSSTGWN					
	ETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS					
	::					
NO.32	YEMLQNIFALFRQDSSSTGWN					
	ETIVENLLANVYHQINHLKTVLEEKLEKEDFTRGKLMSS					
	60	70	80	90	100	110

	120	130	140	150	160
ifn_b.	LHLKRYYGRILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLRLN				
	::				
NO.32	LHLKRYYGRILHYLKAKEYSHCAWTIVRVEILRNFYFINRLTGYLRLN				
	120	130	140	150	160